

Medicina Veterinária

CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DA VIRULÊNCIA DE Escherichia coli DE BOVINOS E BUBALINOS

Vivian Aparecida Malta - 9º módulo de Medicina Veterinária, UFLA, bolsista PIBIC/UFLA

Jéssica Luana Felix Moreira - Coorientadora, Pós-graduanda DMV, UFLA.

Dircéia Aparecida Da Costa Custódio - Pós-doutoranda, DMV, UFLA.

Maysa Serpa Gonçalves - Professora substituta DMV, UFLA.

Elaine Maria Seles Dorneles - Professora DMV, UFLA.

Carine Rodrigues Pereira - Orientadora DMV, UFLA. - Orientador(a)

Resumo

A *Escherichia coli* é uma bactéria que possui uma diversidade de cepas comensais e patogênicas, sendo estas últimas responsáveis por infecções intestinais em humanos e animais. Tem grande relevância em saúde pública devido ao risco à segurança alimentar e ao seu potencial zoonótico. A patogênese varia entre as cepas, dependendo de genes e fatores de virulência específicos, o que determina a gravidade dos distúrbios gerados. O objetivo deste trabalho foi realizar uma análise genômica de cepas de *Escherichia coli* de um banco de isolados de bovinos e bubalinos nos anos de 2004 a 2016 nos estados de Minas Gerais e São Paulo, com foco na caracterização genômica dos genes de virulência. Vinte e quatro cepas foram isoladas e a identificação foi realizada com técnicas laboratoriais padrão. Sequenciamento completo do genoma foi realizado na plataforma Illumina HiSeq 2500. A qualidade dos dados foi avaliada utilizando o software FASTQC. Para a montagem, foram utilizados os programas SPAdes, Unicycler e Edena, com avaliação da qualidade pelos softwares QUAST e CheckM. A ordenação dos genomas foi realizada via Medusa, os quais foram depositados na plataforma NCBI. Os genes de virulência foram identificados com o ABRicate, utilizando o banco de dados VFDB. Foram identificados 163 genes no total, incluindo alguns não caracterizados funcionalmente. Esses genes foram classificados de acordo com suas principais funções na virulência bacteriana, como gene relacionados ao sistema de secreção tipo 3 (espX1, espY1, ompA, espR4); aos fatores de adesão (papX, afaF-VII, yagW/ecpD e fdeC); genes associados à formação de biofilme (csgG, csgF, csgB); mecanismos de aquisição de ferro (chuX, chuW, chuA, chuS); à invasão (csgD); e toxinas (cdtA, cdtB, cdtC). Além disso, observou-se uma elevada prevalência dos genes entA, entB, entC, entD, entE e entF, relacionados à biossíntese da enterobactina e que estavam presentes em todas as amostras analisadas. Esses genes estão diretamente associados à patogenicidade bacteriana, desempenhando papel essencial nos mecanismos de virulência. Sua presença contribui para a elevada infecção em humanos e animais, sendo um problema na saúde pública e na segurança alimentar. A identificação desses genes codificadores de fatores de virulência é fundamental para compreender a relação desses na patogênese, possibilitando o desenvolvimento de estratégias de prevenção e controle.

Palavras-Chave: patogênese, bactéria, bioinformática.

Instituição de Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG e UFLA.

Link do pitch: https://youtu.be/Kv9_YGvV0ck